第 38 卷第 10 期 2018 年 5 月 | 生 态 学 报 ACTA ECOLOGICA SINICA | Vol.38, No.10 May, 2018

DOI: 10.5846/stxb201710161852
宁应之,杨永强,董玟含,张惠茹,马继阳.土壤纤毛虫群落对不同退还模式生态恢复的响应.生态学报,2018,38(10):3628-3638.
Ning Y Z, Yang Y Q, Dong W H, Zhang H R, Ma J Y. Response of soil ciliate community to ecological restoration of different return patterns. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(10): 3628-3638.

土壤纤毛虫群落对不同退还模式生态恢复的响应

宁应之[1,*],杨永强[1],董玟含[2],张惠茹[1],马继阳[1]
1 西北师范大学生命科学学院,兰州 730070
2 甘肃省林业职业技术学院,天水 741020

摘要:为了探究土壤纤毛虫群落对不同退还模式生态恢复的响应及利用其群落特征来评价退还效果,于 2014 年 4 月至 2015 年 7 月在甘肃省天祝藏族自治县朵什乡退耕还林区选取了 3 个不同退还林型样点(云杉、沙棘混交林 A1,云杉林 A2,沙棘林 B1)和 2 个对照耕地样点(小麦地 A0,豌豆地 B0)为研究样地,采用"非淹没培养皿法"、活体观察法和培养直接计数法对土壤纤毛虫群落特征进行了研究,同时测定了各样点土壤的相关环境因子,并分析了不同恢复模式下土壤纤毛虫群落特征与植被群落参数、土壤环境因子间的相关性。研究共鉴定到 125 种土壤纤毛虫,隶属于 9 纲 19 目 29 科 34 属。结果显示:退还样点和对照样点的土壤纤毛虫群落结构特征存在明显差异($P<0.05$),退还样点间的物种相似性减小,群落组成复杂化;退还样点土壤纤毛虫物种数、密度、物种多样性指数、均匀度指数和丰富度指数均明显增高($P<0.05$),且各样点间表现为 A1>B1>A2>B0>A0;各样点优势类群的演替趋势,由对照样点的肾形目演替为退还样点的散毛目。相关性分析和冗余分析结果表明,退耕还林后,对纤毛虫群落结构稳定影响最主要的是有机质、含水量和全氮的含量,不同林型间土壤纤毛虫群落组成差异较大,表明土壤纤毛虫群落结构可作为对退耕还林生态恢复的评价指标。

关键词:土壤纤毛虫群落;退还模式;生态恢复;生态响应;冗余分析

Response of soil ciliate community to ecological restoration of different return patterns

NING Yingzhi[1,*], YANG Yongqiang[1], DONG Wenhan[2], ZHANG Huiru[1], MA Jiyang[1]
1 *The College of Life Sciences, Northwest Normal University, Lanzhou* 730070, *China*
2 *Gansu Forestry Technological College, Tianshui* 741020, *China*

Abstract: Rapid economic development in many countries is leading to global environmental degradation. Consequently, the restoration of degraded ecosystems has become an important component of modern ecological research. In the 1990s, China started the key project of returning farmland to forest in order to realize ecological restoration benefits. Benefits of ecological restoration include protecting and improving the environment and minimizing soil erosion, mitigating the threat of floods, and enhancing biodiversity. With the implementation of the project of returning farmland to forest, studies on returning farmland to forest (grass) have gradually increased, but there has been more emphasis on returning farmland to forests, ecological benefits, vegetation, and the soil environment. Microorganisms play a key role in driving biogeochemical cycles in ecosystems. However, knowledge of soil microbial communities is poor. It is therefore becoming increasingly important to gain a better understanding of soil microorganisms including microbial eukaryotes (protists). Ciliated protists (ciliates) play an important role in microbial food webs, controlling bacterial populations by predation, transferring carbon and energy through food chains, and releasing nutrients. In soils, the presence of ciliates and other heterotrophic protists is known to

基金项目:国家自然科学基金项目(41761056,41361055)
收稿日期:2017-10-16; **修订日期**:2018-01-31

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: skyb514@ qq.com

significantly increase levels of available plant nutrients, such as nitrogen and phosphorous. Furthermore, because of their rich species, short growth cycles, rapid community evolution and sensitivity to environmental change, they are often used as indicators of environmental quality. Current research on soil ciliates mainly focuses on classification, morphogenesis, and molecular information. Changes of soil ciliate community structure after returning farmland to forest and the use of ciliate community structure for evaluating environmental change have received only scant attention. This study investigates the response of soil ciliate communities to the ecological restoration of three different forest types in this region including A1 (*Picea asperata* × *Hippophae rhamnoides*), A2 (*Picea asperata*), and B1 (*Hippophae rhamnoides*). These forests had previously been destroyed for the growth of agricultural crops. Soil samples were collected from each of the three forest types and from two crops (A0: *Triticum aestivum*, B0: *Pisum sativum*) as controls. Ciliates were isolated from the samples using the non-flooded Petri dish method. Ciliate communities were characterized by observation of cells *in vivo* using light microscopy. Enumeration was by directing-culture counting. Physical-chemical parameters also were recorded. The main aim of the study was to relate soil ciliate community characteristics with vegetation and environmental factors under different restoration patterns. A total of 125 species belonging to 9 classes, 19 orders, 29 families, and 34 genera of ciliates were recorded. Significant differences in the community structure of soil ciliates ($P < 0.05$) were found between the restored forest soils and the control soils. The species richness, density, species diversity index, evenness index, and abundance index of soil ciliates were all significantly higher ($P < 0.05$) in the restored forest soils than in the soils from the control cultivars, which from high to low were A1 > B1 > A2 > B0 > A0. Furthermore, the dominant ciliate group in control soils (order Colpodida) was replaced by the order Sporadotrichida in the restored forest soils. Results of correlation analysis and redundancy analysis were similar with both showing that soil water content, organic matter and total nitrogen content were the main factors influencing the ciliate community structure in the restored forest soils.

Key Words: soil ciliate communities; vegetation restoration measures; ecological restoration; ecological response; redundancy analysis

随着经济的快速发展,生态问题日趋严重,对退化生态系统的恢复和重建已成为现代生态学研究中最引人注目的方向之一[1]。关于生态恢复,国外主要集中在生物多样性保护[2]、生态恢复与协调发展[3]以及土壤微生物多样性[4]等方面的研究。20 世纪 90 年代,我国为了实现生态恢复启动退耕还林重点工程[5]。退耕还林是将不适合耕种或易于水土流失的耕地因地制宜地造林种草,恢复林草植被,从而保护和改善生态环境。随着退耕还林项目的开展,有关退耕还林(草)方面的研究也逐渐增多,但多集中在退耕还林模式[6]、生态效益[7]、植被[8]、土壤环境[9]、微生物群落[10]和中小型土壤动物群落[11]之间关系的研究上。

土壤纤毛虫是原生动物中的重要类群之一,在土壤生态系统中占有重要地位,因其物种丰富、生长周期短、群落演替迅速、对环境变化敏感、易于培养观察等特点已成为一种理想的环境指示生物[12]而被广泛地应用于对农田、森林生态系统评价和土壤环境变化的测试中[13-15]。目前,有关土壤纤毛虫的研究主要集中在分类、形态发生和分子信息等方面[16-17]。关于退耕还林后土壤纤毛虫群落结构变化以及利用其群落结构变化对退还效果评价的研究较少,仅见于宁应之等人有关甘肃定西华家岭土壤纤毛虫群落对生态恢复的响应[18]、土壤纤毛虫群落对退耕还林生态恢复的响应——以侧柏林为例[19]和庆城县退耕还林区春季土壤纤毛虫群落特征[20]的相关研究工作。

本文以甘肃省武威市天祝藏族自治县境内的退耕还林区为样点,以耕地作为对照,研究不同恢复林型对土壤纤毛虫群落结构变化的影响,探讨土壤纤毛虫群落特征与植被群落参数、土壤环境因子之间的相关关系,并根据土壤纤毛虫群落特征参数来评价该地区退耕还林生态恢复的效果,旨在为该地区生态环境保护和退耕还林效果的生物学评价体系的建立及退还工程后续工作的优化设计与实施提供基础资料和理论依据。

1 材料和方法

1.1 样点简介

朵什乡地处甘肃省天祝藏族自治县北部,总面积 312.7 km^2,海拔在 2526—3261 m 之间,属大陆性干旱、半湿润气候类型。年平均气温 4.5 ℃,降水量 450 mm,每年 6—8 月为雨季。朵什乡处于内陆河流域石羊河水系古浪河上游,以中山地貌为主,兼有黄土丘陵地貌,树种以青海云杉、桦属类、山杨等为主,灌木类型以山生柳、金露梅、锦鸡儿、杜鹃属类、高山绣线菊等为主,流域植被类型较复杂[21-22],土壤类型以栗钙土和灰褐土为主。由于受气候、地理因素的制约和历代滥樵、滥牧、滥垦的影响,流域内植被退化,生态环境十分脆弱,抵御自然灾害的能力日趋下降。自 1999 年国家提倡退耕还林起,境内植被逐渐恢复,该乡成为天祝藏族自治县典型退耕还林恢复区。

在朵什乡境内茶树沟和旱泉沟共选取了 5 个样点,分别为 3 个退耕还林样点:青海云杉、沙棘混交林(A1)、纯青海云杉林(A2)和纯沙棘林(B1),退还时间均为 1999 年;选择种植小麦耕地(A0)和种植豌豆耕地(B0)作为对照样点(图 1)。

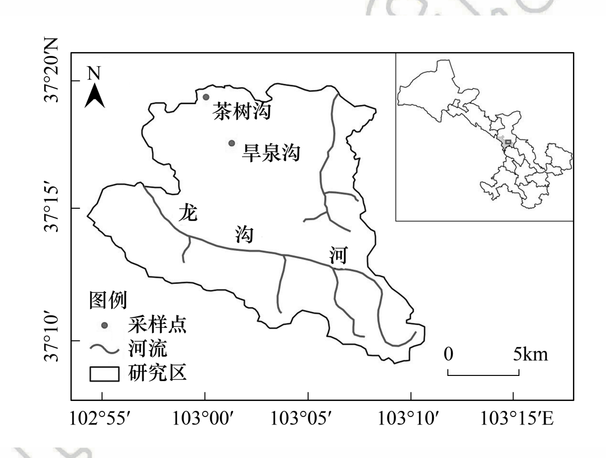


图 1 土壤纤毛虫采样点示意图

Fig.1 The sampling sites of soil ciliate

1.2 采样

在每个样点选取一个面积约 100 m^2 的样区,按照梅花五点式采样法用土壤采集器采取 0—5 cm 土壤层的土样 1 份,五个点均按照五点式取样,每个小点也按照五点式采样,因此每份样品由 25 次取样混合而成,共计 5 份土样,采集好的土样放入塑料袋中,扎紧袋口,贴上标签。采样时测定采样点土壤温度、海拔高度、地理坐标、凋落物厚度及灌木和草本盖度等,并用环刀切割原位土样,用于土壤含水量、孔隙度以及 pH 等理化指标的测定。

1.3 植被调查方法

设置两种样方,分别为:10 m×10 m 和 1 m×1 m。调查乔木、灌木、半灌木的种类组成和盖度采用 10 m × 10 m 的样方;调查草本植物种的种类、数量及盖度用 1 m×1 m 的小样方,同时设置 5 个小样方以统计植物频度。依照这些指标计算出各种生态学参数。

1.4 土壤理化因子测定

土壤 pH:采用电位测定法(土:水=1:2.5),仪器为 TSS-851 土壤湿度酸度计(四平市电子技术研究所);电导率采用浸提法(水土比 5:1);土温利用曲管地温计测定(-10—60 ℃);土壤含水量采用烘干法测定;土壤孔隙度用环刀法测定;土壤速效磷量采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法测定;速效钾采用乙酸铵浸提-火焰光度计法测定;速效氮采用紫外分光光度计法和靛酚兰比色法测定;全氮含量采用凯氏定氮法测定;全钾含量采用火焰光度法测定;全磷含量采用氢氧化钠碱熔-钼锑抗比色法测定;有机质用重铬酸钾容量法测定。

1.5 纤毛虫研究方法

用“非淹没培养皿法”[23]进行定性研究。在直径为 15 cm 的培养皿中加入风干土样 50 g,然后加土壤浸出液至土壤充分浸润但不淹没。放于 25 ℃的培养箱中培养 24 h 后镜检,连续培养观察 20 d,并持续观察记录。鉴定技术为活体观察,鉴定所用资料见参考文献[24-32]。

定量研究采用培养直接计数法。称取 30 g 已风干土样,置于直径 10 cm 的培养皿中进行培养,水土比 1.1∶1。25 ℃ 的培养箱中保持液面不变培养至最大计数日(第 9,10,11 d)时,将培养皿倾斜 45°,静止 5—7 min,将土壤上清液全部吸出并测量,从中吸取一滴于载玻片上,固定于显微镜下进行计数,并做好记录,1 份

土样重复 5 次。所得计数换算成 1 mL 水中的纤毛虫密度(1 mL 约等于 22 滴),用 1 mL 水的纤毛虫密度,换算出 30 g 土样中土壤纤毛虫的数量。

1.6　统计分析

Shannon-wiener 多样性指数　　$H' = -\sum_{i=1}^{s} Pi\ln Pi$

Pielou 均匀度指数　　$E = \frac{H'}{\ln S}$

Simpson 优势度指数　　$C = \sum Pi^2$

Margalef 丰富度指数　　$D = \frac{(S-1)}{\ln N}$

式中,S 表示物种数;P_i 表示第 i 类群的百分比;N 表示纤毛虫个体总数。

使用 SPSS 19.0 对土壤环境因子和土壤纤毛虫群落特征参数进行相关性分析,采用独立样本 T 检验进行差异显著性分析;使用 Primer 6.0 进行聚类(Cluster)和多维尺度分析(MDS);柱状图用 Origin 9.0 绘制;采样图用 Arcview Gis 9.3 进行绘制;使用 Canoco 4.5 进行冗余分析(RDA 分析)。

2　结果与分析

2.1　土壤环境因子对不同退还模式生态恢复的响应

表 1 为研究区各样点土壤理化因子数据。从表 1 中可以看出,各样点间土温、土壤全钾、全磷、电导率和土壤孔隙度差异不大,均无显著性差异;土壤含水量 A1、A2、B0 样点较 A0、B0 样点有所增高,但差异不显著;土壤速效钾、有机质、全氮含量 A1、A2、B1 样点均显著高于 A0、B0 (P<0.05);B0 样点土壤速效氮和速效磷含量显著高于(P<0.05)其它 4 个样点,原因是采样时 B0 样点人工施肥影响;各样点间的土壤 pH 值无显差异,稳定在 6.93—6.97 之间,为标准的中性土壤。

表 1　各样点土壤理化因子(平均值±标准误, n=5)

Table 1　Soil physic-chemical factors in various sampling sites (Mean ± SE, n=5)

样点 Sampling sites	云杉×沙棘林(A1) *Picea asperata × Hippophae rhamnoides*	云杉林(A2) *Picea asperata*	沙棘林(B1) *Hippophae rhamnoides*	耕地(A0) *Triticum aestivum*	耕地(B0) *Pisum sativum*
土温 Soil temperature /℃	13.09±12.30a	11.18±10.77a	13.15±12.59a	14.28±11.29a	12.93±10.67a
含水量 Water content /%	30.27±3.65a	24.54±3.73a	29.89±5.51a	23.60±5.41a	24.57±6.53a
土壤孔隙度 Soil porosity /%	57.95±4.59a	61.01±2.89a	61.41±7.36a	62.78±4.76a	63.08±5.04a
速效钾 Available potassium /(mg/kg)	276.17±39.97a	231.32±39.28a	325.04±67.54a	107.56±12.83b	251.59±110.19a
速效磷 Available phosphorus /(mg/kg)	24.67±3.02b	18.13±2.02c	22.72±2.14b	23.25±4.15b	57.11±24.75a
速效氮 Available-nitrogen /(mg/kg)	13.55±6.85b	13.03±9.82b	16.04±12.31b	13.89±9.95b	43.21±31.78a
全氮 Total nitrogen /(mg/kg)	0.27±0.02a	0.22±0.01ab	0.26±0.04a	0.19±0.01b	0.21±0.03b
全钾 Total potassium /(mg/kg)	2.12±0.06a	2.12±0.07a	2.24±0.15a	2.06±0.06a	2.27±0.15a
全磷 Total phosphorus /(mg/kg)	0.11±0.04a	0.11±0.04a	0.12±0.04a	0.14±0.06a	0.15±0.04a
有机质 Organic matter /(mg/kg)	5.35±0.44a	3.86±0.25ab	4.77±0.58a	3.53±0.21b	3.68±0.45b
pH 值	6.97±0.03a	6.94±0.05a	6.94±0.06a	6.97±0.02a	6.93±0.05a
电导率 Specific conductance /(μs/m)	125.93±14.60a	114.33±12.97a	121.33±13.44a	112.60±7.93a	144.80±44.44a

同一行字母不同表示样点间差异显著(P<0.05)

对各样点的土壤环境因子进行分层聚类分析,得到图 2。如图 2 所示,A2 样点和 B1 样点最先聚为一类,

接着与 A1 样点聚为一类,随后 3 个样点与 B0 聚为一类,最后与 A0 聚为一类。由此可得,从 5 个样点的土壤环境因子来看,A1 样点、A2 样点和 B1 样点,它们的相似性最大,A0 样点和 B0 样点的相似性较大。说明退耕还林后的土壤环境较对照耕地样点有了明显不同。

2.2 植被对不同退还模式生态恢复的响应

基于恩格勒 1964 分类系统[33],对研究区植被进行分类。共鉴定出植物 66 种,隶属于 2 门 3 纲 19 目 26 科 55 属。退耕还林后各样点植被分布情况不同,其中混交林 A1 样点的植被最为丰富,其次是沙棘林 B1 样点,云杉林 A2 样点植被相较于其他两个样点比较简单。其中在调查过程中牡蒿为混交林 A1 样点的优势种,鹅观草为云杉林 A2 样点的优势种,花苜蓿为沙棘林 B1 样点的优势种。混交林 A1 样点物种数、物种多样性指数、均匀度、盖度均高于其它退耕还林样点,而优势度均低于其它退耕还林样点。由此可以看出,混交林 A1 样点的退还效果最好,且植物群落结构趋于稳定,其次是沙棘林 B1 样点,最后是云杉林 A2 样点(表 2)。

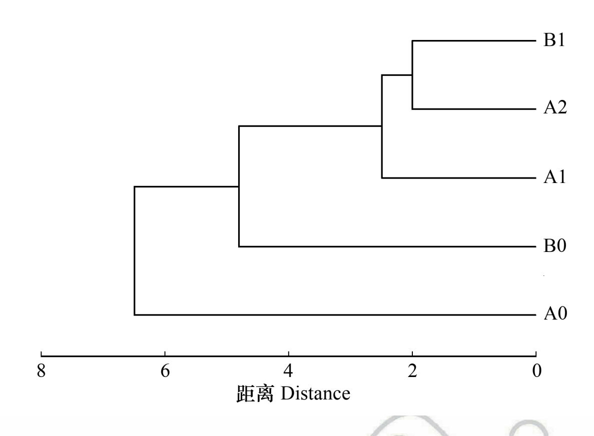


图 2 各样点环境因子聚类分析树形图

Fig.2 Dendrogram of cluster analysis on soil environment factors in various sites

A1: 云杉×沙棘林(*Picea asperata* × *Hippophae rhamnoides*);A2: 云杉林(*Picea asperata*); B1: 沙棘林(*Hippophae rhamnoides*) A0: 小麦地(*Triticum aestivum*);B0: 豌豆地(*Pisum sativum*)

表 2 各样点植被群落参数

Table 2 Parameters of plant community in various sampling sites

植物群落参数 Parameter of plant community	A1	A2	B1
盖度 Coverage/%	70	45	55
物种数 Species number	47	32	39
密度 Density	62	47	82
物种多样性指数 Species diversity index	2.683	2.019	2.209
优势度 Dominance	0.1058	0.2104	0.1662
均匀度 Uniformity	0.64	0.48	0.52

2.3 土壤纤毛虫群落对不同退还模式生态恢复的响应

2.3.1 物种分布和群落组成

5 个样点中共鉴定到土壤纤毛虫 125 种,隶属 9 纲 19 目 29 科 34 属,其中 A1 和 B1 样点各 92 种,占物种总数的 73.6%;A2 样点 78 种,占 62.4%;A0 和 B0 样点各 57 种,占 45.6%。

各样点的土壤纤毛虫群落组成如图 3 和表 3 所示。由图可知,退耕还林样点的群落组成较为复杂,与耕地样点间有较大差异;与耕地样点相比,退耕还林样点的土壤纤毛虫在目、科、属和种级水平均明显增加;各样点间的土壤纤毛虫优势类群由耕地样点的肾形目(Colpodida)逐渐演替为退耕还林样点的散毛目(Sporadotrichida)。

表 3 各样点土壤纤毛虫群落组成

Table 3 Community composition of soil ciliates in various sampling sites

样点 Sampling sites	纲 Classes	目 Orders	科 Families	属 Genera	种 Species	优势类群和次优势类群 Dominant and subdominant groups
A1	9	19	27	32	92	散毛目(Sporadotrichida)21 种;刺钩目(Haptorida)16 种
A2	9	16	24	29	78	散毛目(Sporadotrichida)19 种;刺钩目(Haptorida)12 种
A0	9	15	21	24	57	肾形目 (Colpodida)12 种;散毛目(Sporadotrichida)10 种
B1	9	18	26	31	92	散毛目(Sporadotrichida)25 种;刺钩目(Haptorida)12 种
B0	9	14	21	24	57	肾形目 (Colpodida)12 种;散毛目(Sporadotrichida)11 种

从表 3 可以看出:(1) A0 和 B0 样点的纤毛虫群落组成较为简单,A1、A2、B1 样点相比 A0、B0 样点群落结构趋于复杂。(2) 退耕还林后,土壤纤毛虫群落中的优势类群发生了演替。演替趋势为:由耕地样点的 *r*-对策的肾形目纤毛虫逐渐的向 *K*-对策的散毛目、排毛目等趋于复杂的土壤纤毛虫过度。

2.3.2　优势种

将各样点中出现频率较高的纤毛虫物种作为该样点的优势种。综合来看,优势种的分布情况是:(1) 土壤肾形虫(*Colpoda edaphoni*)和纺锤康纤虫(*Cohnilemebus fusiformis*)在所有样点中均为优势种;A1 样点中优势种共 9 种,A2 样点优势种共 5 种,B1 样点优势种共 9 种,主要为肾形目、散毛目和排毛目。伪尖毛虫(*Oxytricha fallax*)在退耕还林 3 个样点中均为优势种。(2) 对照样点优势种相对单一,退耕还林后,其优势种较对照样点有明显的差异。随着退耕还林后生态环境的逐渐恢复,土壤纤毛虫优势种种类不断增加,且趋于复杂化,由耕地样点的 *r*-对策的肾形目纤毛虫逐渐的向 *K*-对策的散毛目、排毛目等趋于复杂的土壤纤毛虫过度。因此,退耕还林生态的恢复使地上植物发生变化的同时,土壤环境也在发生着变化,并且使其环境变得优良,这在土壤纤毛虫群落变化上也有明显的体现。

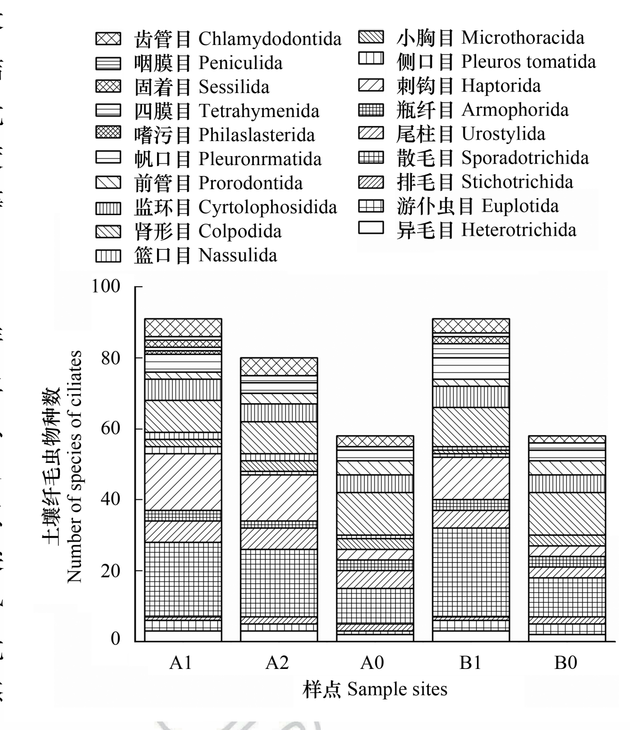


图 3　各样点土壤纤毛虫群落组成

Fig. 3　Community composition of soil ciliates in various sampling sites

2.3.3　广布种和特有种

将各样点中均出现的纤毛虫物种作为广布种。在 5 个样点中都有分布的土壤纤毛虫共 27 种,占纤毛虫总物种数的 21.6%。对照耕地样点有 3 个特有种,占纤毛虫总物种数的 2.4%,A0 样点特有种为迅捷肾形虫(*Colpoda fastigata*),B0 样点特有种为卡锐尼片尾虫(*Urosoma karini*)和纵长膜袋虫(*Cyclidium elongatum*)。退耕还林样点中特有种共 22 种,占纤毛虫物种总数的 17.6%。退耕还林后,特有种明显增多。

2.3.4　土壤纤毛虫群落参数

各样点土壤纤毛虫群落参数见图 4。由图可知,土壤纤毛虫物种数、密度、物种多样性指数、丰富度指数和均匀度指数的变化规律基本一致,即退耕还林样点均高于对照样点。其中,A0 样点和 B0 样点的物种数最少,为 57 种,A1 和 B1 样点物种数最多,为 92 种。土壤纤毛虫密度、物种多样性指数、丰富度指数表现为退耕还林样点均高于对照耕地样点,且差异显著($P<0.05$),均匀度指数也表现为退耕还林样点高于对照耕地样点,但无显著差异;各样点土壤纤毛虫优势度指数与其它参数变化趋势相反,表现为退耕还林样点低于对照样点,且退耕还林样点和对照耕地样点间差异显著($P<0.05$)。可以看出,退耕还林后土壤纤毛虫物种数、物种多样性指数、密度、丰富度指数、均匀度指数明显升高,优势度指数降低。

2.3.5　土壤纤毛虫群落特征参数与土壤环境因子的相关性分析

应用 SPSS 19.0 统计软件将各样点的主要土壤环境因子和纤毛虫群落特征参数作为源变量,进行二元变量的相关性分析。相关性分析显示:物种数与含水量,全氮和有机质呈显著正相关($P<0.05$);密度与含水量,全氮呈显著正相关($P<0.05$),与有机质呈极显著正相关($P<0.01$),与土壤孔隙度呈显著负相关($P<0.05$);物种多样性指数与全氮呈显著正相关($P<0.05$),与全磷呈显著负相关($P<0.05$);均匀度与全氮呈显著正相关($P<0.05$),与全磷呈极显著负相关($P<0.01$);优势度与全磷呈显著正相关($P<0.05$);丰富度指数与全氮和有机质呈显著正相关($P<0.05$),与全磷呈显著正相关($P<0.05$)(表 4)。

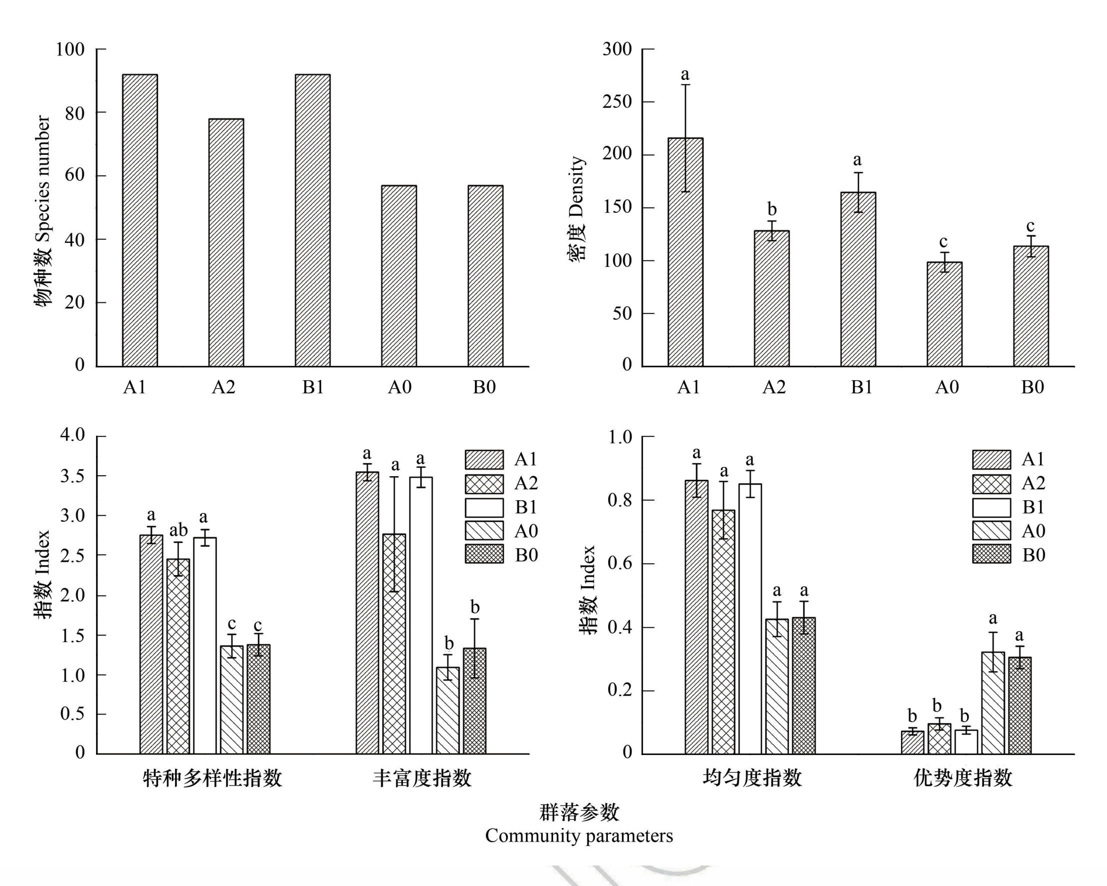


图 4 各样点的土壤纤毛虫群落特征参数

Fig.4 The characteristic parameters of soil ciliate community in various sampling sites

表 4 土壤纤毛虫群落特征参数与土壤环境因子的相关性分析(皮尔森相关性系数)

Table 4 Correlations between the community characteristic parameters of soil ciliates and the soil environmental factors (Pearson′s correlation coefficient)

指标 Index	物种数 Species number	密度 Density	物种多样性指数 Species diversity index	均匀度指数 Evenness index	优势度指数 Simpson index	丰富度指数 Margalef index
土温 Soil temperature /℃	-0.519	-0.474	-0.63	-0.631	0.691	-0.596
含水量 Water content /%	0.894 *	0.927 *	0.811	0.81	-0.756	0.869
土壤孔隙度 Soil porosity /%	-0.799	-0.927 *	-0.796	-0.796	0.772	-0.802
速效钾 Available potassium /(mg/kg)	0.739	0.667	0.712	0.711	-0.711	0.769
速效磷 Available phosphorus /(mg/kg)	-0.554	-0.291	-0.596	-0.597	0.588	-0.518
速效氮 Available nitrogen /(mg/kg)	-0.637	-0.506	-0.658	-0.658	0.634	-0.599
全氮 Total nitrogen /(mg/kg)	0.940 *	0.954 *	0.889 *	0.888 *	-0.835	0.963 *
全钾 Total potassium /(mg/kg)	0.06	0.036	0.014	0.012	-0.022	0.094
全磷 Total phosphorus /(mg/kg)	-0.866	-0.700	-0.925 *	-0.926 **	0.936 *	-0.879 *
有机质 Organic matter /(mg/kg)	0.897 *	0.988 **	0.832	0.831	-0.781	0.879 *
pH	0.106	0.310	0.057	0.057	0.007	0.041
电导率 Specific conductance /(μs/m)	-0.232	0.050	-0.284	-0.285	0.283	-0.191

* 表示 0.05 水平上的相关性;** 表示 0.01 水平上的相关性

2.3.6 纤毛虫与土壤环境因子的排序

基于纤毛虫与土壤环境因子 12 个指标的主成分分析表明(表 5),主成分 1 的贡献率为 93%,主成分 2 的

贡献率为 5.4%,累计贡献率已达 98.4%,很好的保留了 12 个指标与土壤纤毛虫群落组成变化的绝大部分信息,因此选取这 2 个主成分作为土壤环境因子与纤毛虫群落组成变化主成分分析的依据。主成分 1 中,土壤含水量、土壤孔隙度、全氮、全磷和有机质的权重系数较大,表明主成分 1 主要反映土壤含水量、土壤孔隙度、全氮、全磷、有机质和纤毛虫群落组成的相关关系。主成分 2 中,含水量、速效磷和有机质的权重系数较大,表明主成分 2 主要反映了含水量、速效磷、有机质和纤毛虫群落组成的相关关系。

表 5　土壤环境因子与排序轴的相关系数、特征值和纤毛虫物种与土壤环境因子的相关性

Table 5　Correlation coefficients between the soil environmental factors and ordination axes of RDA, eigenvalue for RDA axis and ciliate species-soil correlation

指标 Index	第一排序轴 Axis 1	第二排序轴 Axis 2	指标 Index	第一排序轴 Axis 1	第二排序轴 Axis 2
土温 Soil temperature /℃	0.6627	−0.3436	全钾 Total potassium /(mg/kg)	−0.0374	−0.3032
含水量 Water content /%	−0.8451	−0.4668	全磷 Total phosphorus /(mg/kg)	0.8797	−0.3696
土壤孔隙度 Soil porosity /%	0.8536	0.2286	有机质 Organic matter /(mg/kg)	−0.8809	−0.4575
速效钾 Available potassium /(mg/kg)	−0.7408	−0.2115	pH	−0.1638	−0.1815
速效磷 Available phosphorus /(mg/kg)	0.5129	−0.4887	电导率 Specific conductance /(μs/m)	0.1809	−0.6028
速效氮 Available nitrogen /(mg/kg)	0.6125	−0.2539	物种与环境因子的相关性 Ciliate species-soil correlation	1	1
全氮 Total nitrogen /(mg/kg)	−0.9204	−0.3671	累计百分比 Cumulative percentage	93	98.4

以第一主成分值为横坐标,第二主成分值为纵坐标,将 12 个指标与纤毛虫群落特征参数进行 RDA 排序(图 5)。结果显示,土壤纤毛虫群落特征参数(物种数、密度、多样性指数、丰富度指数、均匀度指数)与全氮、有机质、含水量、速效钾和土温呈正相关,其中土壤纤毛虫密度与全氮、有机质、含水量相关性最大,其它各参数次之;土壤纤毛虫优势度指数与速效氮、速效磷、全磷、pH、电导率呈正相关,与全氮、有机质、含水量、速效钾和土温呈负相关。所以有机质、全氮、含水量、速效钾和土温是影响土壤纤毛虫群落分布的关键因子。

3　土壤纤毛虫群落组成参数与植被的相关性

如图 6 所示,土壤纤毛虫群落参数中纤毛虫物种数和密度与植被的物种数、密度、盖度具有相关性;且与土壤纤毛虫物种数相关性最强的是植被的物种数。纤毛虫多样性指数、优势度、均匀度和丰富度指数与植被的多样性指数、均匀度、优势度具有相关性,且与土壤纤毛虫丰富度指数相关性最强的是植被的物种多样性。出现这一现象的主要原因是,植被密度和盖度的增加,提高了其保水性,而影响土壤纤毛虫物种数和密度的主要因素是含水量,这与之前所做的相关性分析结果一致。

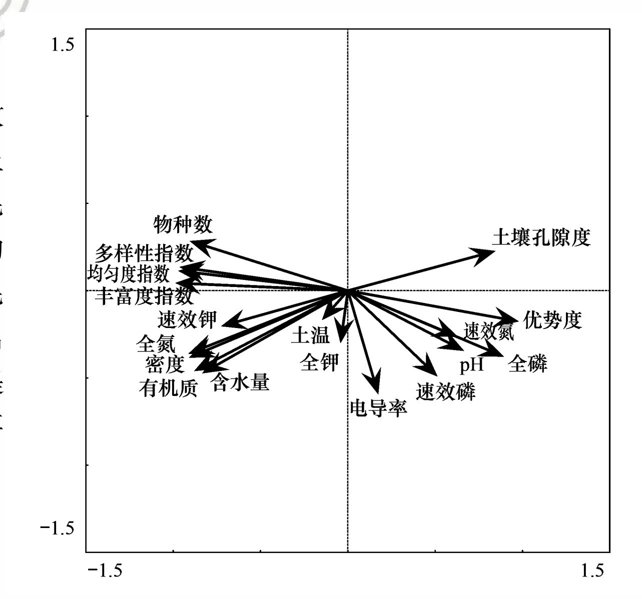


图 5　样点和土壤环境因子的 RDA 排序图

Fig.5　RDA Ordination diagram of the sampling sites and soil environmental factors

4　讨论

4.1　植物群落对不同退还模式生态恢复的响应

植被的恢复与重建必然会影响植物的物种多样性与群落组成,物种多样性能够体现群落结构、组成、稳定程度和生境差异,反映群落在组成、结构、功能和动态等方面的异质性及不同环境条件与群落的相互关系[34]。受人类活动干扰越少,生态环境条件越优越,植被群落的物种多样性就越高。本研究中各退耕样点植被物种数、物种多样性、均匀度以及盖度均表现为混交林高于

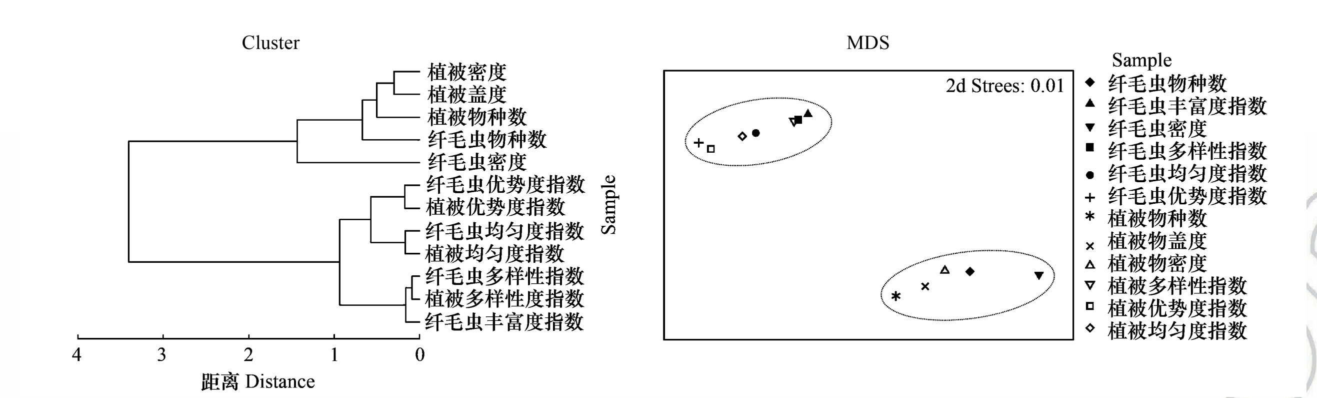


图6 土壤纤毛虫群落与植物群落相关性分析

Fig.6 Correlations between the soil community and the plant community

纯树种林，各样点优势度则表现为纯树种林高于混交林。纯树种林中，沙棘林植被物种数、物种多样性、均匀度以及盖度高于云杉林，其主要原因是灌木体型较小，且树冠大，使土壤不易受到阳光的直接照射，从而减少了土壤水分的蒸发，其次，灌木林所产生的凋落物相较于云杉类乔木所产生的凋落物更容易被分解，使有机质和全氮有一定的累积，这与薛蓮莛等[35]在不同植被恢复模式对黄土丘陵区侵蚀土壤微生物量的影响一文中所得出的研究结果相一致。马少薇等[6]在吴起县不同退耕还林地群落恢复特征研究中也指出，不同退还模式中，沙棘和山杏的混交林植物 Shannon 多样性指数、Pielou 均匀度指数和 Margalef 丰富度指数均高于单一纯树种林。左小安等[36]在科尔沁沙地不同恢复年限退化植被的物种多样性的研究中发现，随着恢复年限的增加，植被丰富度、盖度和物种多样性多样性逐渐增加，优势度逐渐减小。说明退耕还林模式中，混交林提高生物多样性的功能较大，因此在退还工程的实施中应当考虑退还植物的种类及种植模式，同时应注意对退还区的保护。

4.2 土壤环境因子对不同退还模式生态恢复的响应

随着植被的恢复，土壤生态环境有明显的改变。本研究发现退耕还林后各样点的土壤理化因子均有所改变，其中土壤含水量、有机质和全氮的含量较对照样点分别提高了 17.24%、29.18%和 27.17%，这与已有的研究结果一致[37-39]。土壤速效钾含量略高于对照耕地样点，但是对照耕地 B0 样点速效钾含量较 A2 样点高，这是由于在采样时，该对照耕地被施肥的缘故。本研究结果表明，与对照耕地样点相比，退耕还林样点的含水量、有机质、全氮和速效钾都有明显的提高。说明通过退耕还林生态恢复后，土壤生态环境得到了明显改善。

4.3 土壤纤毛虫群落对不同退还模式生态恢复的响应

随着退耕还林生态的恢复，土壤环境得到改善，进而影响土壤纤毛虫的群落结构发生变化。土壤纤毛虫虽只是一种个体微小的单细胞真核生物，但因其具有种类多、生长速度快、分布广泛，且对环境的改变能做出快速响应等特点，将其用来反映土壤生态系统的改变具有较好的效果[12]。本研究以土壤纤毛虫为研究对象，对不同退还样点和耕地样点的纤毛虫群落组成进行了研究。研究发现，退耕还林样点的土壤纤毛虫物种数、丰度和多样性指数均高于耕地样点，说明退耕还林后土壤环境更加有利于土壤纤毛虫的生存。从各样点土壤纤毛虫优势类群可以看出，退耕还林生态恢复后，土壤纤毛虫的优势类群从肾形目逐渐演替为散毛目，从 *r*-对策型演替成 *K*-对策型。这是因为，*r*-对策者分布广泛，繁殖力强，繁殖周期短，在环境条件波动较大的情况下，*r*-对策者占主导地位；而 *K*-对策者生理结构相对复杂，繁殖周期长，寿命较长，在环境条件相对稳定的情况下，*K*-对策者占主导地位。因此，退耕还林对土壤生态环境的改善能够很好的推动纤毛虫群落结构由 *r*-对策者逐渐演替成为 *K*-对策者，这与李涛[40]，宁应之等[19-20]所得出的结论一致。

4.4 植被和环境因子对土壤纤毛虫群落的影响

退耕还林后土壤环境的恢复主要体现在土壤环境因子的改变上，进而影响土壤纤毛虫的群落参数。相关性分析及 RDA 分析结果表明，土壤纤毛虫群落参数(物种数、密度、多样性指数、均匀度指数、优势度指数和丰

富度指数)与土壤环境因子之间存在着显著或者极显著相关关系。各环境因子中对土壤纤毛虫群落参数影响最大的是有机质的含量,其次是全氮含量和含水量,这与很多有关纤毛虫群落多样性文章中所研究的结果一致[41-42]。不同退还模式中,混交林土壤纤毛虫群落结构更加稳定和复杂,说明混交林模式恢复效果较好,在退还过程中应适当推广。

5　结论

通过对退还区植被、土壤理化因子和土壤纤毛虫定量、定性研究,分析了不同退还模式下植被群落组成、土壤环境变化和土壤纤毛虫群落的组成,得到了如下结论:

(1) 不同退还模式下,土壤环境与土壤纤毛虫群落组成发生了明显的改变。随着植被的恢复,退耕还林样点的土壤环境得到改善,有机质、全氮、含水量明显增高,更加有利于土壤纤毛虫的生存;相比单一树种的退还模式,混交林更有利于生态环境的恢复和生物多样性的增加,单一树种林中,沙棘林的植被物种数、物种多样性、均匀度以及盖度高于云杉林,其土壤环境及土壤纤毛虫群落稳定性均比云杉林。

(2) 土壤纤毛虫多样性、均匀度、优势度和丰富度与植被群落多样性、均匀度、优势度具有相关性,而纤毛虫密度、物种数与植被密度、物种数、盖度具有相关性。由此可以看出,土壤纤毛虫群落参数与植被群落参数存在着某种相关性,利用土壤纤毛虫群落参数可间接地反应植被的恢复情况,土壤纤毛虫群落较好的响应了退耕还林后生态环境的恢复。

本文补充了之前研究的不足,增加了不同的退耕还林模式方面的研究,详细的调查了样区的植被情况和土壤信息,分析了植被与土壤环境因子、土壤纤毛虫群落之间的相关关系,为该方面的研究增加了更加系统全面的基础资料。

致谢:英国自然历史博物馆 Alan Warren 研究员帮助写作,特此致谢。

参考文献(References):

[1] 张婷, 侍昊, 徐雁南, 薛建辉, 褚军, 耿庆宏. 退耕还林对喀斯特地区土地利用景观格局影响的定量化评价. 北京林业大学学报, 2015, 37(3): 34-43.

[2] Dewald L E, Kolanoski K M. Conserving genetic diversity in ecological restoration: a case study with ponderosa pine in northern Arizona, USA. New Forests, 2017, 48(2): 337-361.

[3] Alves-Pinto H N, Latawiec A E, Strassburg B B N, Barros F S M, Sansevero J B B, Iribarrem A, Crouzeilles R, Lemgruber L, Rangel M C, Silva A C P. Reconciling rural development and ecological restoration: strategies and policy recommendations for the Brazilian Atlantic Forest. Land Use Policy, 2017, 60: 419-426.

[4] Hamonts K, Bissett A, Macdonald B C T, Barton P S, Manning A D, Young A. Effects of ecological restoration on soil microbial diversity in a temperate grassy woodland. Applied Soil Ecology, 2017, 117/118: 117-128.

[5] 李敏, 姚顺波. 退耕还林工程综合效益评价. 西北农林科技大学学报: 社会科学版, 2016, 16(3): 118-124.

[6] 马少薇, 郭建英, 蓝登明, 李锦荣, 珊丹, 赵杏花. 吴起县不同退耕还林地群落恢复特征研究. 水土保持研究, 2016, 23(6): 204-209.

[7] 秦聪, 贾俊雪. 退耕还林工程: 生态恢复与收入增长. 中国软科学, 2017, (7): 126-138.

[8] 赵安周, 张安兵, 刘海新, 刘焱序, 王贺封, 王冬利. 退耕还林(草)工程实施前后黄土高原植被覆盖时空变化分析. 自然资源学报, 2017, 32(3): 449-460.

[9] 华瑞. 黄土丘陵区不同退耕年限林草地土壤结构及大孔隙研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2016.

[10] 纪垚, 王继华, 苑泽宁, 关健飞, 刘晨宇, 祝亚楠. 不同恢复方式对七星河湿地真菌群落多样性影响. 黑龙江大学工程学报, 2017, 8(1): 60-66.

[11] 明凡渤, 门丽娜, 刘新民. 内蒙古武川县农田退耕还草对中小型土壤动物群落的影响. 生态学杂志, 2013, 32(7): 1838-1843.

[12] Foissner W. Soil protozoa as bioindicators: pros and cons, methods, diversity, representative examples. Agriculture, Ecosystems & Environment, 1999, 74(1/3): 95-112.

[13] 马正学, 申海香, 邹涛, 马尚盛, 宁应之. 兰州八里镇蔬菜基地春季土壤纤毛虫群落特征. 动物学杂志, 2008, 43(3): 87-93.

[14] Petz W, Foissner W. The effects of mancozeb and lindane on the soil microfauna of a spruce forest: a field study using a completely randomized

block design. Biology and Fertility of Soils, 1989, 7(3): 225-231.

[15] 宁应之, 王婷婷, 武维宁, 陈凌云, 杜国祯. 甘南高寒草甸土壤纤毛虫对磷酸氢二铵添加的响应. 应用生态学报, 2017, 28(5): 1668-1678.

[16] Wang J Y, Lyu Z, Warren A, Wang F, Shao C. Morphology, ontogeny and molecular phylogeny of a novel saline soil ciliate, *Urosomoida paragiliformis* n. sp. (Ciliophora, Hypotrichia). European Journal of Protistology, 2016, 56: 79-89.

[17] Wang C D, Zhang T T, Wang Y R, Katz L A, Gao F, Song W B. Disentangling sources of variation in SSU rDNA sequences from single cell analyses of ciliates: impact of copy number variation and experimental error. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 2017, 284 (1859): 20170425.

[18] 宁应之, 王红军, 禹娟红, 杜海峰. 甘肃定西华家岭土壤纤毛虫群落对生态恢复的响应. 动物学研究, 2011, 32(2): 223-231.

[19] 宁应之, 武维宁, 杜海峰, 王红军. 土壤纤毛虫群落对退耕还林生态恢复的响应——以侧柏林为例. 生态学报, 2016, 36(2): 288-297.

[20] 宁应之, 王婷婷, 董玟含, 杨元罡, 烟郑杰. 庆城县退耕还林区春季土壤纤毛虫群落特征. 西北师范大学学报: 自然科学版, 2017, 53 (2): 88-93.

[21] 张德罡, 胡自治. 东祁连山杜鹃灌丛草地灌木受损恢复生长的研究. 草业学报, 2003, 12(3): 28-33.

[22] 柴发熹, 柴春山, 王红梅. 黑河流域草地资源保护与建设. 草业科学, 2004, 21(3): 1-6.

[23] Foissner W. Estimating the species richness of soil protozoa using the "non-flooded petri dish method"//Lee J J, Soldo A, eds. Protocols in Protozoology. Lawrence: Allen Press, 1992.

[24] Berger H. Monograph of the Oxytrichidae (Ciliophora, Hypotrichia). London: Kluwer Academic Publishers, 1999: 1-1047.

[25] Foissner W. Ecology and taxonomy of the hypotrichida (Protozoa: Ciliophora) of some Austrian soils. Archiv für Protistenkunde, 1982, 126: 19-143.

[26] Foissner W. Infraciliature, Silberliniensystem und Biometrie einiger neuer und wenig bekannter terrestrischer, limnischer und mariner Ciliaten (Protozoa: Ciliophora) aus den Klassen Kinetofragminophora, Colpodea und Polyhymenophora. Stapfia, 1984, 12: 1-165.

[27] Foissner W. Colpodea (Ciliophora). Stuttgart: Gustav Fischer Verlag, 1993: 1-798.

[28] Foissner W, Agatha S, Berger H. Soil ciliates (Protozoa, Ciliophora) from Namibia (Southwest Africa), with emphasis on two contrasting, the Etosha region and the Namib desert. Part I: text and line drawings. Denisia, 2002, 5: 1-1063.

[29] Foissner W, Berger H, Xu K, Zechmeister-Boltenstern S. A huge, undescribed soil ciliate (Protozoa: Ciliophora) diversity in natural forest stands of Central Europe. Biodiversity and Conservation, 2005, 14(3): 617-701.

[30] Kahl A. Urtiere oder Protozoa. I. Wimpertiere oder Ciliata (Infusoria) eine Bearbeitung der freilebenden und ectocommensalen Infusorien der Erde, unter Ausschluss der marinen Tintinnidae. Teil 30. 213 pp. Die Tierwelt Deutschlands. G. Fischer, Jena, 1935.

[31] 沈韫芬. 微型生物监测新技术. 北京: 中国建筑工业出版社, 1990.

[32] 宁应之, 王娟, 刘娜, 马正学, 程晓. 甘肃天水麦积山风景名胜区土壤纤毛虫的物种多样性. 动物学研究, 2007, 28(4): 367-373.

[33] Engler A, Melchior H, Mattick F. Übersicht über die Florengebiete der Erde. Borntraeger, 1964.

[34] 章家恩, 秦钟, 李庆芳. 不同土地利用方式下土壤动物群落的聚类与排序. 生态学杂志, 2011, 30(12): 2849-2856.

[35] 薛萐莛, 刘国彬, 戴全厚, 党小虎, 周萍. 不同植被恢复模式对黄土丘陵区侵蚀土壤微生物量的影响. 自然资源学报, 2007, 22(1): 20-27.

[36] 左小安, 赵哈林, 赵学勇, 郭轶瑞, 张铜会, 毛伟, 苏娜, 冯静. 科尔沁沙地不同恢复年限退化植被的物种多样性. 草业学报, 2009, 18 (4): 9-16.

[37] 刘文祥, 李勇, 于寒青. 草灌植被恢复提高坡地土壤水稳性团聚体和碳、氮含量的有效性: 退耕年限的影响. 植物营养与肥料学报, 2016, 22(1): 164-170.

[38] 王志齐, 杜兰兰, 赵慢, 郭胜利. 黄土区不同退耕方式下土壤碳氮的差异及其影响因素. 应用生态学报, 2016, 27(3): 716-722.

[39] 兰志龙, 潘小莲, 赵英, 司炳成, 汪有科, 焦瑞, 张建国. 黄土丘陵区不同土地利用模式对深层土壤含水量的影响. 应用生态学报, 2017, 28(3): 847-855.

[40] 李涛, 刘苑秋, 郭圣茂, 柯国庆, 张钊, 肖绪宝, 刘武. 瑞昌石灰岩红壤区退耕还林土壤动物群落特征. 应用生态学报, 2012, 23(4): 910-916.

[41] 宁应之, 沈韫芬. 中国典型地带土壤原生动物: I. 区系特征和物种分布. 动物学报, 1998, 44(1): 5-10.

[42] 秦洁, 马正学, 刘有斌, 宁应之. 甘肃平凉麻武山土壤纤毛虫群落特征. 生态学杂志, 2010, 29(8): 1566-1572.